

新規ゲノム配列



脱水素関連遺伝子



アルデヒド分解酵素 類似遺伝子

(A) アノテータ

(B) キュレータ

脱水素関連遺伝子



アルデヒド分解酵素 類似遺伝子



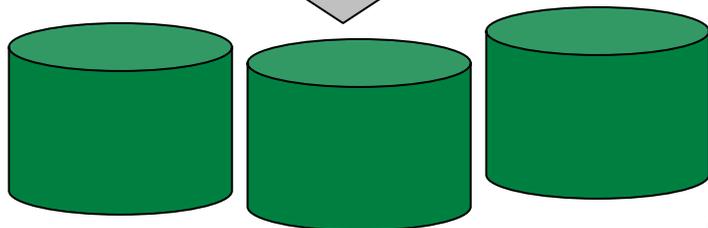
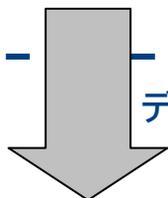
脱水素補酵素



アルデヒド分解酵素 類似遺伝子

注釈の更新

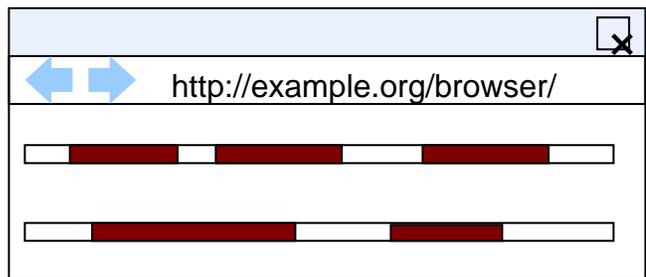
データベース化



データベース



可視化



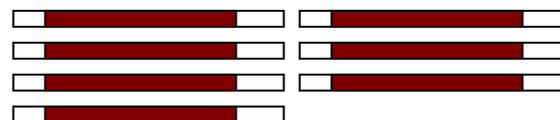
インターネットブラウザ

(C) データベース構築者

```
#!/usr/bin/env ruby
require 'bio'
kegg = Bio::KEGG::API.new
ebi = Bio::EBI::SOAP.new
...
```

インターネット
を通じた利用

データ整形とマイニング



酵素群

補酵素群

(D) データベース高度利用者

DB高度利用者養成(お茶大)

- 目的

- ライフサイエンス・データベースから、データの抽出、編集、蓄積し、解析や知識発見ができる利用者の養成
 - 特にインターネットを活用したデータの取得、解析
 - 統合DBの利用を促進できる人材の育成

- 本年度の実施内容

- カリキュラム開発

- 基礎と専門に分け、骨子を作成。授業資料を作成しつつブラッシュアップ中
- 詳細は後述

- 授業および演習

- 大学院生向けに30時間程度の授業および実習を実施
- 詳細は後述

カリキュラムの評価

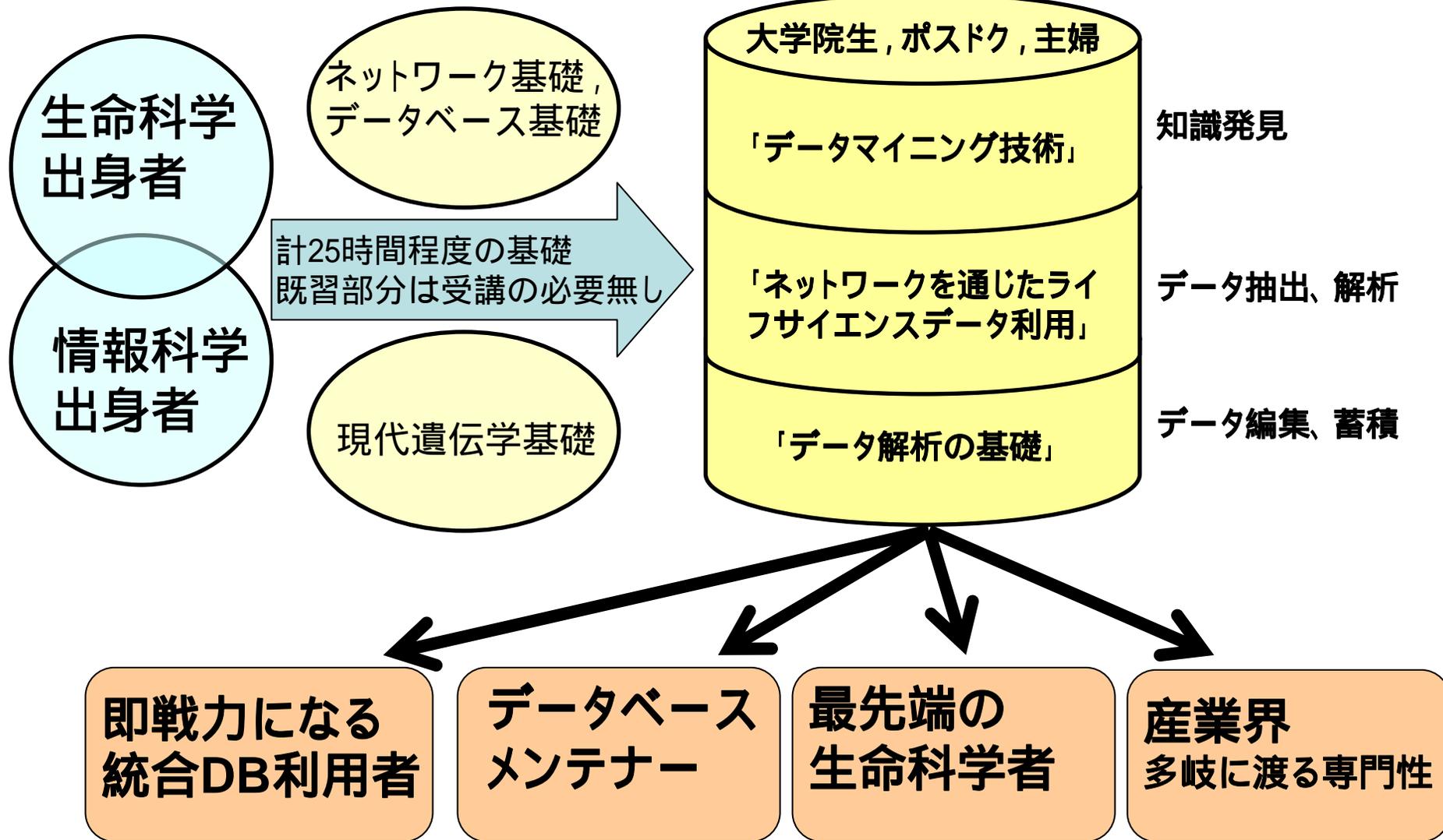
- 今後、授業・演習を行った分について評価を行う

自習用教材の作成およびインターネット上の公開

- 開発中のカリキュラムに沿って自習資料を作成中
- すでに行った講義分に関しては公開済み

DB高度利用者育成プラン

高度DB利用者教育



カリキュラム概要

• DB高度利用入門

- 各個人の基礎レベルを合わせる事が目的
- ネットワーク基礎
 - TCP/IP, WWWとHTTP, DNS, TELNET, プロトコル, IPアドレス, ルーティング
- データベース基礎
 - DBMSの概念と構成、関係モデル、関係代数、SQL、データベースプログラミング、XML、XPath
- 現代遺伝学基礎
 - 現在作成中

• DB高度利用専門

- 高度利用に必要な専門知識を学ぶ
- データ解析の基礎(データ編集と蓄積)
 - 統計の概念と実践、UNIXシェルの利用、プログラミング言語の入門
- ネットワークを通じたライフサイエンスデータの利用(データ抽出と解析)
 - コマンドラインを利用したWebサイトの利用・配列解析、ネットワークを利用したデータ取得・論文検索、データの統合
- データマイニング技術(知識発見)
 - データの前処理、クラス分類、クラスターリング、共起解析、相関ルール

実施中の授業および演習

- 作成したカリキュラム案に沿った授業の実施
- 本年度は、「ネットワークを通じたデータ利用」を行った
 - 3時間*10週
 - WebAPIを通じたデータの取得、解析を行った
 - 遺伝子のプロモータ配列の自動取得
 - 遺伝子の注釈情報、関連遺伝子の自動取得
 - 論文中で同時に現れやすい遺伝子の同定を遺伝子名を入力しただけで調べる (Cell cycle関連遺伝子同士と、Cell cycleと免疫関連遺伝子では、どちらが同時に論文中に現れやすいか)
 - 受講生に生命科学系の人が多かったため、簡単なUNIXコマンド入門も行った
 - 受講生18名
 - 博士課程6名、修士課程11名、ポスドク1名
 - 生物、化学系16名、情報科学系2名
- 1月25日、長浜バイオ大で講習会を共同開催予定
- その他
 - 2ヶ月に1度のペースで公開セミナーを実施
 - 6,9,10,12月に実施
 - 平均40名程度の聴講者